

## สารบัญ

|                                                            | หน้า |
|------------------------------------------------------------|------|
| กิตติกรรมประกาศ                                            | ค    |
| บทคัดย่อภาษาไทย                                            | ง    |
| บทคัดย่อภาษาอังกฤษ                                         | จ    |
| สารบัญภาพ                                                  | ช    |
| สารบัญตาราง                                                | ฉ    |
| บทที่ 1 บทนำ                                               | 1    |
| 1.1 หลักการ ทฤษฎี เหตุผล และสมมุติฐาน                      | 1    |
| 1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย                                | 3    |
| 1.3 ประโยชน์ที่จะได้รับจากการศึกษาเชิงทฤษฎีและเชิงประยุกต์ | 3    |
| 1.4 ขอบเขตการวิจัย                                         | 4    |
| 1.5 วิธีการวิจัย                                           | 4    |
| 1.6 สถานที่ ที่ใช้ในการดำเนินการวิจัยและรวบรวมข้อมูล       | 5    |
| บทที่ 2 หลักการและทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง                       | 6    |
| 2.1 ชีวสารสนเทศ (Bioinformatics)                           | 6    |
| 2.2 ข้อมูลรหัสพันธุกรรมของดีเอ็นเอ (DNA Data)              | 7    |
| 2.3 ดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ (DNA Microarrays)                | 8    |
| 2.4 ยีนออนโทโลยี (Gene Ontology)                           | 10   |
| 2.5 กระบวนการนอร์มอลไลซ์เซชัน (Normalization)              | 12   |
| 2.6 ทฤษฎีวิเคราะห์ข้อมูลหลายตัวแปร                         | 13   |
| บทที่ 3 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ด้วย        | 14   |
| 3.1 หลักการของวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก                  | 15   |
| 3.2 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์                | 22   |
| 3.3 วิจัยและสรุปผล                                         | 51   |

## สารบัญ (ต่อ)

|                                                                                     | หน้า |
|-------------------------------------------------------------------------------------|------|
| บทที่ 4 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ด้วยวิธีวิเคราะห์ปัจจัย              | 52   |
| 4.1 หลักการของวิธีวิเคราะห์ปัจจัย                                                   | 53   |
| 4.2 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์                                         | 67   |
| 4.3 วิจัยและสรุปผล                                                                  | 98   |
| บทที่ 5 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ด้วยวิธีวิเคราะห์การจำแนกประเภท      | 101  |
| 5.1 หลักการของวิธีวิเคราะห์การจำแนกประเภท                                           | 102  |
| 5.2 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์                                         | 113  |
| 5.3 วิจัยและสรุปผล                                                                  | 140  |
| บทที่ 6 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ด้วยวิธีวิเคราะห์การถดถอยแบบโลจิสติก | 142  |
| 6.1 หลักการของวิธีวิเคราะห์การถดถอยแบบโลจิสติก                                      | 143  |
| 6.2 การวิเคราะห์ข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์                                         | 148  |
| 6.3 วิจัยและสรุปผล                                                                  | 162  |
| บทที่ 7 บทสรุป                                                                      | 164  |
| 7.1 สรุปภาพรวมของงานวิจัย                                                           | 164  |
| 7.2 ข้อเสนอแนะและแนวทางการวิจัยในอนาคต                                              | 165  |
| เอกสารอ้างอิง                                                                       | 166  |
| ประวัติผู้เขียน                                                                     | 168  |

## สารบัญภาพ

| รูป                                                                                                                                                                                                      | หน้า |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 2.1 ไมโครอาร์เรย์ดีเอ็นเอ                                                                                                                                                                                | 9    |
| 2.2 แผนภาพกระบวนการสร้างดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์                                                                                                                                                            | 9    |
| 3.1 ตัวอย่างสกริปต์                                                                                                                                                                                      | 21   |
| 3.2 หน้าแรกโปรแกรมทรานสคริปโตม (Transcriptome CMU)                                                                                                                                                       | 23   |
| 3.3 กรอบคานน์เมนูสำหรับคิวรี่ข้อมูลยีสต์                                                                                                                                                                 | 23   |
| 3.4 การเลือกชุดการทดลองที่เกี่ยวข้องกับยีสต์ ชักคาโรไมซิสเซอร์วิวิเอ                                                                                                                                     | 24   |
| 3.5 ภาพไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ใน 7 ช่วงเวลาของกระบวนการไดออกซิซิฟ                                                                                                                                          | 25   |
| 3.6 สกริปต์จากการวิเคราะห์ห้องค้ประกอบหลักโดยใช้เมตริกซ์สหสัมพันธ์ของข้อมูลดีเอ็นเอ ไมโครอาร์เรย์ในชักคาโรไมซิสเซอร์วิวิเอ                                                                               | 30   |
| 3.7 กราฟ 2 มิติของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของชักคาโรไมซิสเซอร์วิวิเอจากการลดมิติโดยใช้กระบวนการวิเคราะห์ห้องค้ประกอบหลัก                                                                              | 31   |
| 3.8 สกริปต์จากการวิเคราะห์ห้องค้ประกอบหลักในกลุ่มยีนของชักคาโรไมซิสเซอร์วิวิเอที่อยู่ในออนโทโลยีองค์ประกอบของเซลล์                                                                                       | 34   |
| 3.9 กราฟ 2 มิติของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของชักคาโรไมซิสเซอร์วิวิเอจากการลดมิติโดยกระบวนการวิเคราะห์ห้องค้ประกอบหลัก และแยกข้อแตกต่างของข้อมูลโดยกลุ่มของออนโทโลยีใน ออนโทโลยีองค์ประกอบของเซลล์     | 35   |
| 3.10 กราฟ 2 มิติของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของชักคาโรไมซิสเซอร์วิวิเอจากการลดมิติโดยกระบวนการวิเคราะห์ห้องค้ประกอบหลัก และแยกข้อแตกต่างของข้อมูลโดยกลุ่มของออนโทโลยีใน ออนโทโลยีกระบวนการทางชีวภาพ    | 36   |
| 3.11 กราฟ 2 มิติของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของชักคาโรไมซิสเซอร์วิวิเอจากการลดมิติโดยกระบวนการวิเคราะห์ห้องค้ประกอบหลัก และแยกข้อแตกต่างของข้อมูลโดยกลุ่มของออนโทโลยีใน ออนโทโลยีหน้าที่ในระดับโมเลกุล | 37   |
| 3.12 รูปแบบการแสดงผลของยีนที่แตกต่างกันในแต่ละกลุ่ม ซึ่ง รูป 3.12A ในเส้นกราฟเส้นที่ 1 จะแสดงปริมาณน้ำตาลที่ลดลงเมื่อเวลาผ่านไป และเส้นที่ 2 แสดงค่าระดับการแสดงผลของยีน จากลักษณะการแสดงผลของยีนที่     | 38   |

## สารบัญภาพ (ต่อ)

| รูป                                                                                                                                                                                  | หน้า |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| แตกต่างกันจะแบ่งออกเป็น 5 กลุ่มดังรูป 3.12 B- 3.12 F ซึ่งในแต่ละกลุ่มยีนนั้นจะมียีนที่เกี่ยวข้อง 7 ยีน รวมทั้งสิ้น 35 ยีน                                                            |      |
| 3.13 สคริปต์ถอดจากการวิเคราะห์หองคัประกอบหลักในกลุ่มยีนของซัคคาโรไมซิสเซอริวิธีเอที่มีการจัดกลุ่มแล้ว                                                                                | 41   |
| 3.14 กราฟ 2 มิติของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของซัคคาโรไมซิสเซอริวิธีเอจากการลดมิติโดยกระบวนการวิเคราะห์หองคัประกอบหลัก และแยกข้อแตกต่างของกลุ่มยีนใน 5 กลุ่มยีน                    | 41   |
| 3.15 สคริปต์ถอดจากการวิเคราะห์หองคัประกอบข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของชุดข้อมูลมะเร็งลิวคิเมีย                                                                                      | 48   |
| 3.16 ผลการวิเคราะห์หองคัประกอบหลักใน 2 มิติโดยชุดข้อมูลลิวคิเมียไมโครอาร์เรย์                                                                                                        | 49   |
| 3.17 ผลการวิเคราะห์หองคัประกอบหลักใน 3 มิติโดยชุดข้อมูลลิวคิเมียไมโครอาร์เรย์                                                                                                        | 50   |
| 4.1 แผนภาพแสดงขั้นตอนการวิเคราะห์ปัจจัย                                                                                                                                              | 53   |
| 4.2 แผนภาพโมเดลการวิเคราะห์ปัจจัย                                                                                                                                                    | 56   |
| 4.3 สคริปต์อธิบายหลักการเลือกจำนวนปัจจัย                                                                                                                                             | 62   |
| 4.4 การหมุนแกนปัจจัยแบบมุมฉาก                                                                                                                                                        | 63   |
| 4.5 การหมุนแกนปัจจัยแบบมุมแหลม                                                                                                                                                       | 64   |
| 4.6 แผนภาพการกระจายของค่าคะแนนปัจจัยโดยวิธี วิเคราะห์ปัจจัยร่วมที่หมุนแกนปัจจัยแบบวาริแมก กับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ซัคคาโรไมซิสเซอริวิธีเอ โดยใช้ช่วงเวลา เป็นตัวแปร | 69   |
| 4.7 กราฟแสดงค่าการแสดงออกของยีนในกระบวนการได้ออกซิดซิฟของยีสต์จากข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ ซัคคาโรไมซิส เซอริวิธีเอ                                                        | 71   |
| 4.8 กราฟแสดงค่าการแสดงออกของยีนที่มีความแปรปรวนสูงสุดในกระบวนการได้ออกซิดซิฟของยีสต์จากข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ ซัคคาโรไมซิส เซอริวิธีเอ                                  | 72   |
| 4.9 สคริปต์ถอด จากการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์หองคัประกอบหลักกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ซัคคาโรไมซิส เซอริวิธีเอ โดยใช้ยีน (Gene) เป็นตัวแปร                     | 72   |

## สารบัญภาพ (ต่อ)

| รูป  |                                                                                                                                                                                                                                         | หน้า |
|------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 4.10 | กราฟการกระจายตัวของค่าน้ำหนักปัจจัยใน 2 ปัจจัย จากผลการวิเคราะห์ปัจจัย โดยวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลักภายหลังหมุนแกนปัจจัยแบบวาริแมกกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ ชัคคาโรไมซิส เซอร์วิลีเอ โดยใช้ขึ้นเป็นตัวแปร              | 76   |
| 4.11 | กราฟแสดงค่าการแสดงออกของยีนในกระบวนการได้ออกซิซิฟของยีสต์จากข้อมูล ดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ ชัคคาโรไมซิส เซอร์วิลีเอจำนวน 35 ยีน                                                                                                   | 80   |
| 4.12 | สคริปต์จากวิธีการวิเคราะห์ปัจจัยกับข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิส เซอร์วิลีเอ โดยใช้ขึ้นเป็นตัวแปร จำนวน 35 ยีน                                                                                                        | 81   |
| 4.13 | กราฟของค่าน้ำหนักปัจจัย จากผลการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์ปัจจัยกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิส เซอร์วิลีเอ โดยใช้ขึ้นเป็นตัวแปรจำนวน 35 ยีน กำหนดกลุ่มยีนโดยอาศัยกลุ่มยีนจากผลงานวิจัยที่เป็นแหล่งของข้อมูล | 83   |
| 4.14 | ผลการจัดกลุ่มยีนในชุดข้อมูล ดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิส เซอร์วิลีเอ โดยวิธีการจัดกลุ่มยีนแบบลำดับชั้น (Hierarchical Clustering)                                                                                           | 84   |
| 4.15 | กราฟของค่าน้ำหนักปัจจัย จากผลการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์ปัจจัยกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิส เซอร์วิลีเอ โดยใช้ขึ้นเป็นตัวแปรจำนวน 35 ยีน กำหนดกลุ่มยีนโดยวิธีการจัดกลุ่มแบบลำดับชั้น                     | 85   |
| 4.16 | บ็อกพล็อตของตัวอย่างชุดยา 5 ชนิด ก่อนและหลังนอร์มอลไลซ์เซชันข้อมูล (Non Normalization Data and Scale Normalization Data)                                                                                                                | 90   |
| 4.17 | สคริปต์จากการวิเคราะห์ปัจจัยในชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์วัน โรค                                                                                                                                                                     | 91   |
| 4.18 | ผลของการจัดกลุ่มยาโดยวิธีการจัดกลุ่มแบบลำดับชั้นในชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์วัน โรค                                                                                                                                                 | 93   |
| 4.19 | ผลของการจัดกลุ่มยาในกลุ่มที่ 1                                                                                                                                                                                                          | 93   |
| 4.20 | ผลของการจัดกลุ่มยาในกลุ่มที่ 3                                                                                                                                                                                                          | 94   |
| 4.21 | ผลของการจัดกลุ่มยาในกลุ่มที่ 11                                                                                                                                                                                                         | 94   |
| 5.1  | กราฟแสดงตัวอย่างของผลการวิเคราะห์การจำแนกประเภทกรณีที่มีข้อมูลมีสองกลุ่ม                                                                                                                                                                | 103  |

## สารบัญภาพ (ต่อ)

| รูป |                                                                                                                                               | หน้า |
|-----|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 5.2 | ตัวอย่างกราฟคะแนนการจำแนกประเภทจากผลการวิเคราะห์จำแนกประเภท                                                                                   | 104  |
| 5.3 | กราฟผลของการวิเคราะห์ห้อยค์ประกอบหลักจากการคัดเลือกยีนที่มีค่า $E(X)$ น้อยที่สุด 100 ยีน                                                      | 117  |
| 5.4 | กราฟผลของการวิเคราะห์ห้อยค์ประกอบหลักจากการคัดเลือกยีนที่มีค่า $E(X)$ มากที่สุด 100 ยีน                                                       | 118  |
| 5.5 | กราฟผลสรุปของการวิเคราะห์การจำแนกประเภทของกลุ่มยีนที่มีค่าประมาณของค่าเอนโทรปีน้อยที่สุด และมากที่สุด โดยแบ่งเป็นช่วงยีน 99 ช่วงยีน           | 124  |
| 5.6 | ผลของการวิเคราะห์ห้อยค์ประกอบหลักจากการคัดเลือกยีนที่มีค่า $V(X)$ มากที่สุด 100 ยีน                                                           | 128  |
| 5.7 | ผลของการวิเคราะห์ห้อยค์ประกอบหลักจากการคัดเลือกยีนที่มีค่า $V(X)$ น้อยที่สุด 100 ยีน                                                          | 128  |
| 5.8 | กราฟผลสรุปของการวิเคราะห์การจำแนกประเภทของกลุ่มยีนที่มีค่าสัดส่วนของความแปรปรวนของข้อมูลมากที่สุด และน้อยที่สุด โดยแบ่งเป็นช่วงยีน 99 ช่วงยีน | 134  |
| 6.1 | การแจกแจงข้อมูลในลักษณะการแจกแจงแบบโลจิสติก                                                                                                   | 145  |

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University

All rights reserved

## สารบัญตาราง

| ตาราง                                                                                                                                       | หน้า |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 3.1 ตัวอย่างชุดข้อมูลไมโครอาร์เรย์ของซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอซึ่งได้จากการคิวรีจากฐานข้อมูลจีโอดีบี (GEODB) โดยโปรแกรมทรานสคริปโตมชีเอ็มยู   | 24   |
| 3.2 ค่ากลางและความแปรปรวนของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ในซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ                                                            | 28   |
| 3.3 เมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ในซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ                                                          | 28   |
| 3.4 เมตริกซ์สหสัมพันธ์ของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ในซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ                                                               | 28   |
| 3.5 ค่าความแปรปรวนขององค์ประกอบหลัก จากการวิเคราะห์กับข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ                                 | 29   |
| 3.6 เมตริกซ์ของไอเกนเวกเตอร์จากการวิเคราะห์องค์ประกอบหลักโดยใช้เมตริกซ์สหสัมพันธ์ของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ในซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ    | 30   |
| 3.7 ตัวอย่างของข้อมูลที่ผ่านกระบวนการวิเคราะห์องค์ประกอบหลักโดยใช้เมตริกซ์สหสัมพันธ์ของข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ในซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ | 31   |
| 3.8 ออนโทโลยีย่อยของกลุ่มยีนของยีสต์ซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ                                                                                 | 32   |
| 3.9 ค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนสะสมขององค์ประกอบหลักในกลุ่มยีนของซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอที่อยู่ในออนโทโลยีองค์ประกอบของเซลล์               | 34   |
| 3.10 กลุ่มยีนจากรูป 3.12                                                                                                                    | 39   |
| 3.11 ค่าระดับการแสดงออกของยีนในชุดข้อมูลไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอจากยีน 35 ตัวที่มีการจัดกลุ่มแล้ว                       | 39   |
| 3.12 ค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนสะสมขององค์ประกอบหลักในกลุ่มยีนของซัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอซึ่งมีการจัดกลุ่มแล้ว                             | 40   |
| 3.13 ชุดข้อมูลการแสดงออกของยีนจากดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของมะเร็งชนิดลิวคีเมียจำนวน 72 ตัวอย่าง                                               | 45   |
| 3.14 ชุดข้อมูลการแสดงออกของยีนจากดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของมะเร็งชนิดลิวคีเมียโดยผ่านกระบวนการเตรียมข้อมูลแล้ว จำนวน 38 ตัวอย่าง              | 47   |

### สารบัญตาราง (ต่อ)

| ตาราง                                                                                                                                                                                                                       | หน้า |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 3.15 ค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนสะสมขององค์ประกอบหลักจากการวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก โดยใช้ข้อมูลการส่งออกของยื่นจากดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของมะเร็งชนิด ลิวคีเมีย                                                             | 47   |
| 4.1 ผลการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์ปัจจัยร่วมที่หมุนแกนปัจจัยแบบวาริแมกกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ โดยใช้ช่วงเวลาเป็นตัวแปร                                                       | 68   |
| 4.2 ความแปรปรวนของปัจจัยจากการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลักกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ โดยใช้ยื่นเป็นตัวแปร                                                            | 73   |
| 4.3 ตัวอย่างเมตริกซ์ค่าน้ำหนักปัจจัยจากการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลักแบบไม่หมุนแกนปัจจัยกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ โดยใช้ยื่นเป็นตัวแปร                             | 73   |
| 4.4 เมตริกซ์ค่าน้ำหนักปัจจัยของ 50 ยีนที่มีค่าน้ำหนักปัจจัย ณ ปัจจัยที่ 1 สูงที่สุดจากการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลักกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ โดยใช้ยื่นเป็นตัวแปร | 74   |
| 4.5 เมตริกซ์ค่าน้ำหนักปัจจัยของ 50 ยีนที่มีค่าน้ำหนักปัจจัย ณ ปัจจัยที่ 2 สูงที่สุดจากการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลักกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ โดยใช้ยื่นเป็นตัวแปร | 75   |
| 4.6 ยีนออนโทโลยี ของ 50 ยีนที่มีค่าน้ำหนักปัจจัย ณ ปัจจัยที่ 1 สูงที่สุดจากการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลักกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ โดยใช้ยื่นเป็นตัวแปร            | 77   |
| 4.7 ยีนออนโทโลยี ของ 50 ยีนที่มีค่าน้ำหนักปัจจัย ณ ปัจจัยที่ 2 สูงที่สุดจากการวิเคราะห์ปัจจัยโดยวิธีวิเคราะห์องค์ประกอบหลักกับชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิส เซอร์วิลีเอ โดยใช้ยื่นเป็นตัวแปร           | 78   |
| 4.8 ค่าพารามิเตอร์ต่างๆ จากการวิเคราะห์ปัจจัยในชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิสเซอร์วิลีเอ โดยใช้ยื่นเป็นตัวแปร จำนวน 35 ยีน                                                                              | 82   |

### สารบัญตาราง (ต่อ)

| ตาราง                                                                                                                                               | หน้า |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 4.9 ผลการจัดกลุ่มขึ้นในชุดข้อมูล ดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของยีสต์ชัคคาโรไมซิส เซอริวิติเอ โดยวิธีการจัดกลุ่มขึ้นแบบลำดับชั้น (Hierarchical Clustering) | 85   |
| 4.10 เมตริกซ์แสดงตัวอย่างข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์วัณโรค ( <i>Mycobacterium tuberculosis</i> )                                                    | 89   |
| 4.11 ความถี่ของข้อมูลที่เหลืออยู่หลังจากการกรองข้อมูลที่ขาดหายไป                                                                                    | 89   |
| 4.12 เมตริกซ์สหสัมพันธ์ของตัวอย่างชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์วัณโรค                                                                              | 90   |
| 4.13 ข้อสรุปจากการวิเคราะห์ปัจจัยในชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์วัณโรค                                                                             | 91   |
| 4.14 เมตริกซ์ของค่าน้ำหนักปัจจัยจากการวิเคราะห์ปัจจัยในชุดข้อมูลดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์วัณโรค                                                         | 92   |
| 4.15 ผลของการจัดกลุ่มยา การหาขึ้นเป้าหมาย และ พาหะที่เกี่ยวข้อง ในยากลุ่มที่ 1                                                                      | 95   |
| 4.16 ผลของการจัดกลุ่มยา การหาขึ้นเป้าหมาย และ พาหะที่เกี่ยวข้อง ในยากลุ่มที่ 3                                                                      | 96   |
| 4.17 ผลของการจัดกลุ่มยา การหาขึ้นเป้าหมาย และ พาหะที่เกี่ยวข้อง ในยากลุ่มที่ 11                                                                     | 96   |
| 4.18 ข้อสรุปของการจัดกลุ่มยา การหาขึ้นเป้าหมายและพาหะที่เกี่ยวข้อง จำนวน 20 กลุ่ม                                                                   | 97   |
| 5.1 ข้อมูลการแสดงผลออกของยีนจากดีเอ็นเอไมโครอาร์เรย์ของมะเร็งชนิดลิควิดีเมีย สำหรับทดสอบผลการวิเคราะห์                                              | 114  |
| 5.2 ยีนและค่าประมาณของค่าเอนโทรปีของยีนที่มีค่าน้อยและมากที่สุด 100 ยีน                                                                             | 115  |
| 5.3 ค่าน้ำหนักการจำแนกประเภทในยีนที่เลือกตามค่า $E(X)$ 100 ตัว                                                                                      | 119  |
| 5.4 ผลการจำแนกประเภทของข้อมูล จากการวิเคราะห์การจำแนกประเภท โดยใช้ยีนที่มีค่า $E(X)$ น้อยที่สุด 100 ยีน เป็นตัวแปร                                  | 120  |
| 5.5 ผลสรุปของการวิเคราะห์การจำแนกประเภทของกลุ่มยีนที่มีค่าประมาณของค่าเอนโทรปีน้อยที่สุด และมากที่สุด โดยแบ่งเป็นช่วงยีน 99 ช่วงยีน                 | 121  |
| 5.6 ยีนและค่าสัดส่วนของค่าความแปรปรวน $V(X)$ มากและน้อยที่สุด 100 ยีน                                                                               | 125  |
| 5.7 ค่าน้ำหนักการจำแนกประเภทในยีนที่เลือกตามค่า $V(X)$ 100 ตัว                                                                                      | 129  |
| 5.8 ผลการจำแนกประเภทของข้อมูล จากการวิเคราะห์การจำแนกประเภท โดยใช้ยีนที่มีค่า $V(X)$ มากที่สุด 100 ยีน เป็นตัวแปร                                   | 131  |

## สารบัญตาราง (ต่อ)

| ตาราง                                                                                                                                         | หน้า |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| 5.9 ผลสรุปของการวิเคราะห์การจำแนกประเภทของกลุ่มยีนที่มีค่าสัดส่วนของความแปรปรวนมากที่สุดและน้อยที่สุด โดยแบ่งเป็นช่วงยีน 99 ช่วงยีน           | 132  |
| 5.10 องค์ประกอบหลักของยีนและความแปรปรวนของแต่ละองค์ประกอบจำนวน 36 องค์ประกอบหลัก                                                              | 135  |
| 5.11 เมตริกซ์คะแนนองค์ประกอบหลักของข้อมูลสำหรับสร้างโมเดลการจำแนกประเภท                                                                       | 136  |
| 5.12 เมตริกซ์คะแนนองค์ประกอบหลักของชุดข้อมูลสำหรับทดสอบ                                                                                       | 136  |
| 5.13 คำนำนักการจำแนกประเภทขององค์ประกอบหลัก 36 องค์ประกอบหลักที่มีค่าความแปรปรวนสูงที่สุด                                                     | 137  |
| 5.14 ผลการจำแนกประเภทข้อมูล จากการวิเคราะห์การจำแนกประเภทโดยอาศัย 36 องค์ประกอบหลักแรก เป็นตัวแปร                                             | 137  |
| 5.15 ผลสรุปของการวิเคราะห์การจำแนกประเภทในชุดข้อมูลโดยอาศัยองค์ประกอบหลักเป็นตัวแปรในช่วงองค์ประกอบหลักต่างๆ 35 ช่วง                          | 138  |
| 5.16 ผลสรุปของการวิเคราะห์การจำแนกประเภทในชุดข้อมูลโดยอาศัยองค์ประกอบหลักที่มีค่าความแปรปรวนน้อยๆ เป็นตัวแปรในช่วงองค์ประกอบหลักต่างๆ 19 ช่วง | 139  |
| 6.1 ค่าพารามิเตอร์ $\beta$ , จากการวิเคราะห์การถดถอยโลจิสติก โดยใช้ยีนที่มีค่าประมาณของค่าเอนโทรปีน้อยที่สุด 37 ยีน                           | 150  |
| 6.2 ผลของการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกโดยใช้ยีนที่มีค่าประมาณของค่าเอนโทรปีน้อยที่สุด จำนวน 37 ยีน เป็นตัวแปรทำนายค่า                             | 151  |
| 6.3 ผลสรุปของการวิเคราะห์การถดถอยโลจิสติกของกลุ่มยีนที่มีค่าประมาณของค่าเอนโทรปีน้อยที่สุด 37 ช่วงยีน                                         | 152  |
| 6.4 ผลของการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกโดยใช้ยีนที่มีค่าประมาณของค่าเอนโทรปีน้อยที่สุด จำนวน 30 ยีน เป็นตัวแปรทำนายค่า                             | 153  |
| 6.5 ผลของการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกโดยใช้ยีนที่มีค่าประมาณของค่าเอนโทรปีมากที่สุด จำนวน 36 ยีน เป็นตัวแปรทำนายค่า                              | 154  |
| 6.6 ผลของการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกโดยใช้ยีนที่มีค่าสัดส่วนของค่า                                                                              | 155  |

## สารบัญตาราง (ต่อ)

| ตาราง                                                                                                                                           | หน้า |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| ความแปรปรวนมากที่สุด จำนวน 37 ยีน เป็นตัวแปรทำนายค่า                                                                                            |      |
| 6.7 ผลสรุปของการวิเคราะห์การถดถอยโลจิสติกของกลุ่มยีนที่ค่าสัดส่วนของค่าความแปรปรวนมากที่สุด 37 ช่วงยีน                                          | 156  |
| 6.8 ผลของการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกโดยใช้ยีนที่มีค่าสัดส่วนของค่าความแปรปรวนมากที่สุด จำนวน 8 ยีน เป็นตัวแปรทำนายค่า                             | 157  |
| 6.9 ผลของการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกโดยใช้ยีนที่มีค่าสัดส่วนของค่าความแปรปรวนน้อยที่สุด จำนวน 36 ยีน เป็นตัวแปรทำนายค่า                           | 158  |
| 6.10 ผลการจำแนกประเภทข้อมูล จากการวิเคราะห์การถดถอยโลจิสติกโดยใช้ 36 องค์ประกอบหลักแรก เป็นตัวแปร                                               | 159  |
| 6.11 ผลสรุปของการวิเคราะห์การถดถอยโลจิสติกในชุดข้อมูลโดยอาศัยองค์ประกอบหลักเป็นตัวแปรในช่วงองค์ประกอบหลักต่างๆ 36 ช่วง                          | 160  |
| 6.12 ผลสรุปของการวิเคราะห์การถดถอยโลจิสติกในชุดข้อมูลโดยอาศัยองค์ประกอบหลักที่มีค่าความแปรปรวนน้อยๆ เป็นตัวแปรในช่วงองค์ประกอบหลักต่างๆ 20 ช่วง | 161  |

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University

All rights reserved